



Consommation
et Corporations Canada

Consumer and
Corporate Affairs Canada

Bureau des brevets

Patent Office

Ottawa, Canada
K1A 0C9

| | |
|------|------------|
| (11) | 2,001,508 |
| (22) | 1989/10/25 |
| (43) | 1990/04/25 |
| (52) | |

5,503,1/78

(19) (CA) **DEMANDE DE BREVET CANADIEN** (12)

(54) Séquences de nucléotides exprimant d'adényl cyclase de
B. Anthracis, protéines ayant l'activité de cette
adényl cyclase et applications biologiques

(72) Escuyer, Vincent - France ;
Duflot, Edith - France ;
Mock, Michèle - France ;
Danchin, Antoine - France ;

(73) Escuyer, Vincent - France ;
Duflot, Edith - France ;
Mock, Michèle - France ;
Danchin, Antoine - France ;

(30) (FR) 88 13952 1988/10/25

(57) 17 Revendications

Avis: le mmoire descriptif ci-inclus est identique celui du dpt

Canada

CCA 3254 (10-89) 41

BEST AVAILABLE COPY

2001508

SEQUENCES DE NUCLEOTIDES EXPRIMANT
L'ADENYL CYCLASE DE B. ANTHRACIS, PROTEINES AYANT
L'ACTIVITE DE CETTE ADENYL CYCLASE ET APPLICATIONS
BIOLOGIQUES

5

ABREGE

10

15 Les séquences de nucléotides comprennent
tout ou partie d'une séquence codant pour une adényl
cyclase telle qu'exprimée par B. anthracis.

La protéine exprimée est utilisable pour
l'élaboration de vaccins moléculaires à effet
20 protecteurs vis-à-vis des infections dues à B. anthracis
et le cas échéant B. pertussis chez l'homme et l'animal.

25

30

35

REVENDICATIONS

1. Séquence de nucléotides caractérisée en ce qu'elle est constituée par au moins une partie d'une séquence codant pour une protéine à activité adényl cyclase telle qu'exprimée par B.anthraxis.
2. Séquence de nucléotides, caractérisée en ce qu'elle est capable de s'hybrider avec des gènes codant pour une adényl cyclase de B.Anthraxis.
3. Séquence selon la revendication 1 ou 2, caractérisée en ce qu'elle porte l'information pour l'expression d'une adényl cyclase, ou de fragments de cette dernière capables de former un complexe immunologique avec des anticorps dirigés respectivement contre une adényl cyclase de B.anthraxis ou de B.pertussis, ou contre des fragments d'une telle adényl cyclase.
4. Séquence de nucléotides recombinante, caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence selon l'une des revendications 1 à 3, le cas échéant associée à un promoteur capable de contrôler la transcription de la séquence et une séquence d'ADN codant pour des signaux de terminaison de la transcription.
5. Séquence de nucléotides recombinante, associée à un promoteur et à un opérateur permettant de contrôler la transcription, et à une séquence signal permettant la sécrétion de la protéine dans l'espace périplasmique (gram -) ou dans le milieu extérieur.
6. Séquence de nucléotides, caractérisée en ce qu'elle est capable de s'hybrider avec une sonde formée à partir de la séquence présentant l'enchaînement de nucléotides (I) suivant :

2001508

GAATTCAAAATCGGACTTAGAAATACACATATAGAAATAAACCACTAATCCATGTCAGT
GTACCGTTTTTTTACTAAATAAACGAAATCAGTGTAAAAATCAACAGCTGAAGTTTATCA
ACTTAGAATGCTCTTTTCTTAAATGCGCTAGCTGTTTTTCTAATGTTTGTATTTCT
AAATATATTTAAATATGAATTGTAGCTGTGTGTCAGAGTTATTAATTAAATTAAGA
TTATATTTGTAAATAAATTTGTAAATTAACATGTAGAAATAAAGAGATTTTAACTTTATTT
AACAGGATGAAATCCATAAACCGTAAATGTGATTTCTAAATAGTTTAAATAAAAA
CAAGGATTTGCTCAGACTTCAGATGAATATCTAAATATCAAGAACCCAAAGTCTTTTA
CAATGACTAGAAATAAATTTATAECTAAATAGTTTACTATTATATCCTTTTCAGTATTAC
TATTTGCTATATCTCTCTCAGGCTATAGAAATAAATGCTATGAATGAACATTACACTG
AGAGTGAATTTAAAGCAACCTATAAACTGAAAAAATAAACTGAAAAACAAAAATTA
AACACAGTATTAAATAACTTAGTTTAAACAGAAATTAACCAATGAAGCTTTAGATAAAAATAC
AGCAGACACAGACTTATTAAAAAGATACCTAACGATGTACTGAAATTTATAGTGAAT
TAGGAGGAGAAATCTATTTTACAGATATAGATTTAGTAGAACATAAGCAATTTACAGAT
TAAGTCAACAGACAAAAATAGTATGAATAGTAGAGCTGAAAAAGTTCCGTTTGCATCC
GTTTGTATTTGAAAAAGAAAGGGAACACCTAAATTAATTATAAATATCAAGATTA
CAATTAATAGTCAACAAAGTAAAGAGTATATTATCAAAATGCAAGCGGATTTCTCTT
ATATTATAAGTAAGGATAAATCTCTAGATCCAGAGTTTTTAAATTAATTAAAGATTTA
GCGATGATACTGATAGTAGCGACCTTTTATTTAGTCAAAAAATTAAGAGAAAGCTAGAA

2001508

1 b

220 TGAATTAATAAAAGTAAAGATATAAATTTTATAAAAGAAAATTAACTGAATTTGAGCATG
700
240 CGTTTCTTTTACCGTTTCTTATTAATTTTGACCTGACCATAGAACGGTATTAGAGTTAT
260 ATGCCCCCGACATGTTTGAATATATGAATAAGTTAGAAAAGGGGGATTGAGAAAATAA
800
280 CTGAAGCTTGAACAAAGAGGCTGCGAAAAGATAGGATTGATGTGCTGAAAGGAGAAA
300 AAGCACTTAAGCTTCAGGTTTAGTACCAGAACATGCAGATGCTTTAAAAAAATTGCTA
900
320 CACAATTAATACATATATCTTTTACGGCTGTTAAATAAGTTAGCTACAAACCTTATTA
1000
340 AAAGTGTGTGGCTACAAAGGATTGAAATGTTCAAGAAAGAGTTGGATTGGGGCCCTG
360 TAGCTGGATACATACCAATTCATCAAGATTATCTAAGAAACATGGTCAACAAATTAGCTG
1100
380 TCAGAAAGGAAATTTAGAAAATAAAAAATCAATTACAGAGCATGAAGGTGAAATAGGTA
400 AATACCAATTAAGTTAGACCAATTAAGAAATAGAACAGTTAAAGGAAAATGGCATAAAT
1200
420 TGAAGGTAATAAAAGAAATTAATAATGGTAAAAATATTTTATTAGAAATGCAATATC
1300
440 ACCATATCAATTTAGAAATAGCGATGAAAACAACGAAGTACAAATACAAGACAAAAGAA
460 GTAAAATACTGTTTACGGGAAAAATCAATTGGAGAAATATAGAACTGATGGCTAAAA
1400
480 ATGTAGAAAGGGCTCTGAAGCCGTTAACAGCTGACTATGATTTATTGCACTTCCCCCA
500 GTTTAACAGAAATAAAAAACAAATACCAAAAAGAAATGGGATAAAGTAGTTAACCCG
1500

2001508

530 CAAATTCATTAGAAAAGCAAAAAGGTTTACTAAITTAATGATTAAATATGGAAATGAGA
 1600
 540 CCAAAACCGGATTCAACTAAGGGAACCTTATCAATTCGCAAAAACAAATGCTTGATCGTT
 550 TGAATGAGCAGTCAAAATATACAGGATATACAGGGGGGATGTGTTAAACATGGCACAG
 1700
 560 AGCAAGATAATGAAGAGTTTCCTGAAAAGATTAACCAATTTTATATAATTAATCCAGAAC
 570 GTCAATTTATATTAACATAAAATTTGGGAGATGACAGGTAGATTATAGAAAAAACATTA
 1800
 580 CGGGAAAAGATTATTTATATTTTAAACCGTTCTTATAATAAAATAGCTCCTGCTAATA
 1900
 590 AAGCTTATATTGAGTGGACTGATCCGATTACAAAAGCTAAATATAATACCATCCCTACGT
 600 CAGCAGAGTTTATAAAAACCTTATCCAGTATCAGAGAGTTTCAATGTAGCAGTTTATA
 2000
 610 AAGATAGTGGGACAAAGACGAATTTGCAAAAAGAAAGCGTGAAAAAAATGACAGGAT
 620 ATTTGTGAGACTATTACAATTCAGCAATCATATTTTCTCAGCAAAAACCGTAAAA
 2100
 630 TATCAATATTTGTTGAATCCAGCCTATAATGAATTCAAATGTTCTAAAACTAAAC
 2200
 640 AAATAGCACCAGATACAAAAATTATTTCAATATTTAAAGCAAGGATTACCAATCAAC
 650 TTCAATTCCTTCTAAACACATCAAAAATCTAATATTGAATTTAAATTTATCTATAAACAA
 2300
 660 TAAAGTTTACAGAAAAAGAAAGGATAATTTTACGCTCTTCCAAAAATTTATCATGA
 670 AATAAATATATATAATTTGTTTTCTGAAAATTCATCAATTTAAAGAAACACTAGGAAT
 2400
 680 AAATAGATGTATTGAATAGTTATAGTAATGGTCTTGTATGACATACCGCTTATACTTT
 2500
 690 GGAGGTAGTAGATATTAAACAACATATAGCAATGAACGGAATGTAGATC

ou l'enchaînement des nucléotides complémentaires de la séquence (I).

5 7. Séquence de nucléotides portant l'information génétique correspondant à l'expression d'au moins une partie d'une adényl cyclase telle qu'exprimée par B. anthracis, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une partie de l'enchaînement (I) selon la revendication 6.

10 8. Séquence de nucléotides, caractérisée en ce qu'elle porte l'information correspondant à l'expression d'au moins une partie de la séquence en acides aminés (II) suivante :

15

20

25

30

35

N T R N K F I P K K F S I I S P S V L
30 L F A I S S S O A I I E V N A N N E H T
60 E S D I K R W N K T S K N K T K K E E F
90 E D S I N N L V E T E P T N E T L D R I
120 O O T O D L L E K I P E D V L E I T S E
150 L G G E I Y P T D I D L V S E R E L O D
180 L S E E E K N S N N S R G E E V P P A S
210 R P V P E K R E T P K L I I N I K O T
240 A I N S E O S E R V T T E I G E C I S L
270 D I I S K D R S L D P E P L N L I K S L
300 S D D E D S S D L L P S O K F K E I L E

11 b 2001508

220 L N M R S I D I E F I K E N L T S P Q N
240 A P S L A P S Y T P A P D E A T V L E L
260 Y A P D M Z E Z N N E L E K G O P R E I
280 S E S L E X E G V E K O R I D V L K G E
300 K A L E A S G L V P E N A D A P K K I A
320 R E L M T T L L P K P V N E L A T N L I
340 K S G V A T K G L N V N O E S S D V G P
360 V A G Y I P P D O D L S K E E O O O L A
380 V E S O N L E M K E S I T E E E C E I O
400 K I P L K L E E L R I E E L K E N G I I
420 L K G E K E I D M G K K Y T L L E S N M
440 Q V T E P R I S O E N E E V O Y K T K E
460 G K I T V L G E K Y M W N N I E V N A K
480 N V E G V L K P L T A D T O L F A L A P
500 S L T E I K K O I P Q K E V D K V V N T

11 c 2001508

330 P N S L B K O K O V T N L L I X Y G I E
340 R K P D S T X G T L S M W O K O M L D R
350 L N E A V X Y T C Y T C G D V V N M G T
360 * * * P P P P P P P P P P P P P P P P P P
370 G E P I L T E N W E M T G R F I E K N I
380 T O K D Y L Y Y P M R S Y M E I A P G M
390 K A Y I E W T D P I T K A K I N T I P T
400 S A S P I X M L S B I R R S E N V G V Y
410 K D S O D K D E P A K K E S V K K I A C
420 Y L S D Y Y M S A N N I P S O E K K R K
430 I S I Y R G I Q A Y M E I S N V L E S K
440 Q I A P E Y K N Y T O Y L K E R I T M O
450 V Q L L L T M O K S M I E T K L L Y K O
460 L N P T E M E T D M P E V F O K I I O E
470 K * * *

9. Protéine à activité adényl cyclase du type de celle exprimée par P. aeruginosa et ses fragments peptidiques, correspondant selon le code génétique universel, aux séquences de nucléotides de l'une quelconque des revendications 1 à 8.

10. Protéine selon la revendication 9, correspondant à l'enchaînement II d'acides aminés selon la revendication 8.

11. Protéine selon la revendication 9 ou 10, caractérisée en ce qu'elle comporte avec l'adényl cyclase de B. pertussis une similitude forte pour les régions allant des positions 342 à 365, et une similitude plus faible pour les domaines s'étendant des positions 487 à 501 d'une part et 573 à 594 d'autre part.

12. Protéine constituée par ou comprenant les domaines allant de la position 300 à la position 683 dans l'enchaînement II selon la revendication 8, correspondant au centre catalytique de l'adényl cyclase de B. pertussis ou au domaine allant de la position 350 à 390 de l'enchaînement II, correspondant au domaine dépendant de la calmoduline.

13. Protéine à activité adényl cyclase selon l'une quelconque des revendications 9 à 12, caractérisée en ce qu'elle donne lieu à une réaction immunologique croisée avec des anticorps dirigés contre l'adényl cyclase de cerveau de rat ou encore l'adényl cyclase de B. pertussis.

14. Anticorps polyclonal ou monoclonal, caractérisé en ce qu'il est dirigé contre tout ou partie de la protéine, ou de ses fragments, selon l'une quelconque des revendications 9 à 13.

15. Sonde de détection caractérisée en ce qu'elle comprend tout ou partie des séquences de nucléotides selon l'une quelconque des revendications 1

à 8.

16. Nécessaire ou kit pour la mise en oeuvre d'une méthode de détection du site de liaison à la calmoduline dans des gènes codant pour une adényl cyclase, caractérisé en qu'il comprend :

- 5 - une quantité déterminée d'une sonde nucléotidique selon la revendication 15,
- avantageusement, un milieu approprié à la formation d'une réaction d'hybridation entre la séquence à
- 10 détecter, et la sonde sus-mentionnée,
- avantageusement, des réactifs permettant la détection des complexes d'hybridation formés entre la séquence de nucléotides et la sonde lors de la réaction d'hybridation.

17. Vaccins capables d'induire une

15 protection chez l'homme et l'animal contre une infection provoquée par B.anthraxis et le cas échéant B.pertussis, caractérisés en ce qu'il s'agit de vaccins moléculaires renfermant une protéine selon l'une quelconque des

20 revendications 9 à 13, en association avec un véhicule pharmaceutique.

25

30

35

1
SEQUENCES DE NUCLÉOTIDES EXPRIMANT L'ADÉNYL CYCLASE DE
B. ANTHRACIS, PROTÉINES AYANT L'ACTIVITÉ DE CETTE ADÉNYL
CYCLASE ET APPLICATIONS BIOLOGIQUES.

5 L'invention a pour objet des séquences de
nucléotides codant pour une adényl cyclase telle
qu'exprimée par Bacillus anthracis. Elle vise également
les protéines correspondant à cette adényl cyclase et
leurs applications biologiques.

10 B. anthracis est une bactérie gram positif
fortement pathogène pour l'homme et l'animal. Sa
virulence résulte de la production d'une exotoxine à
trois composants et d'une capsule d'acide
poly-D-glutanique.

15 Les trois protéines consistent en un an-
tigène protecteur (PA) de 85 kDa, un facteur léthal (LF)
de 83 kDa et un facteur oedémato-gène (EF) de 89 kDa.

Ces protéines ne sont pas toxiques en
elles-mêmes. Mais leur interaction provoque deux
20 réponses pathologiques différentes chez l'animal.

Ainsi l'injection de PA avec LF provoque
la mort tandis que l'injection intradermique de PA avec
EF produit un oedème de la peau chez le cochon d'inde ou
le lapin. Le composant EF qui est doté d'une activité
25 adényl cyclase dépendante de la calmoduline, activateur
eucaryote, induit une importante augmentation de la
concentration en CAMP intracellulaire (AMP cyclique). On
sait qu'une autre bactérie pathogène, à savoir
B. anthracis, produit également une adényl
30 cyclase toxique, extracellulaire, activée par la
calmoduline de l'hôte. Comme l'ont montré Mock et al
(1), ces deux adényl cyclases sont antigéniquement
religées bien qu'elles soient produites par des
organismes taxonomiquement totalement distincts.

Les gènes responsables de l'expression de PA, LF et EF sont présents sur le plasmide pXO1 de B.anthraxis. Leur clonage moléculaire et leur expression chez E.coli a été rapportée par Vodkin et Leppla (2), pour PA, Robertson et Leppla (3) pour LF, et Tippetts et Robertson, (4) pour EF.

Mock et al (1) ont également rapporté un procédé de clonage et d'expression de l'adényl cyclase de B.anthraxis dans E.coli. Le procédé général de clonage fait l'objet de la demande FR 87/10614 du 24 juillet 1987 aux noms des demandeurs. Brièvement, on utilise selon ce procédé l'interaction adényl cyclase-calmoduline qui se traduit par la production de cAMP. Le clonage du gène est effectué dans une souche réceptrice déficiente en adényl cyclase, portant un plasmide exprimant de hauts niveaux de calmoduline. Les gènes qui coopèrent dans le procédé de clonage, à savoir celui qui code pour l'adényl cyclase et celui qui code pour la calmoduline, sont d'origine différentes.

En poursuivant leurs travaux dans ce domaine, les inventeurs ont réussi à déterminer la séquence portant l'information requise pour l'expression d'au moins la partie active d'une adényl cyclase telle qu'exprimée par B.anthraxis.

Cette étape a permis de définir la structure du gène, ses particularités ainsi que les similitudes éventuelles avec d'autres gènes. La conduite de ces travaux a également permis de déterminer la structure primaire de la toxine exprimée et de la comparer à la structure de toxines similaires telles que secrétées par exemple par B.pertussis.

L'invention a donc pour but de fournir de nouvelles séquences de nucléotides capables de coder pour des protéines à activité adényl cyclase telle qu'exprimée par B.anthraxis.

Elle a également pour but de fournir au moins la partie active, par rapport à une activité adényl cyclase, de ces protéines.

L'invention vise en outre à fournir des vaccins moléculaires renfermant tout ou partie de
5 séquences immunoprotectrices de l'adényl cyclase.

La séquence de nucléotides selon l'invention est caractérisée en ce qu'elle est constituée par au moins une partie d'une séquence codant pour une
10 protéine à activité adényl cyclase telle qu'exprimée par B.anthraxis.

Cette séquence est capable de s'hybrider avec des gènes codant pour une protéine à activité adényl cyclase de B.anthraxis.

L'invention concerne également une
15 séquence de nucléotides caractérisée en ce qu'elle porte l'information pour l'expression d'une adényl cyclase, ou de fragments de cette dernière, capables de former un complexe immunologique avec des anticorps dirigés respectivement contre une adényl cyclase de B.anthraxis,
20 de B.pertussis ou de cerveau de rat ou contre des fragments d'une telle adényl cyclase.

L'invention concerne également une séquence recombinante comprenant l'une des séquences
25 définies ci-dessus, le cas échéant associée à un promoteur capable de contrôler la transcription de la séquence d'ADN codant pour des séquences de terminaison de la transcription et des signaux de traduction et de sécrétion.

Elle vise encore une séquence de nucléo-
30 tides recombinante, associée à un promoteur et à un opérateur permettant de contrôler la transcription, et à une séquence signal permettant la sécrétion de la protéine dans l'espace périplasmique (gram -) ou dans le
35 milieu extérieur.

2001508

4

Selon encore un autre aspect, la séquence
de nucléotides de l'invention est capable de s'hybrider
avec une sonde formée à partir de la séquence présentant
l'enchaînement de nucléotides (I) suivant, qui corres-
pond dans sa totalité au gène cya de B.anthraxis :

10

15

20

25

30

35

2001508

1 3

GAATTC AAAATCCGACTTAGAAATACACATATAGAAATAAACAACCTAATCCATGTCAGT
-400
GTACCGTTTTTTTACTAAATAACCAAAATCAGTGTAAAAATGAACAGCTGAACCTTTATCA
ACTTAGAATCTCTTTTACTTTAAATGCCCTAGCTGTTTTTCTAAATGTTTGTATTTCT
-300
AAATATATTTAAATATCAATTTGTAGCTGCTGTGCAAGAGTTATAATTAATTAATAAGA
-200
TTATATTTGTAAATAAATTTGTATTTAACATGTAGAAATAAGAGATTTTATGTTTTATT
AACAGGATCAAAATCCATAAACCCGTAATGTGATTTCTAAATTAGTTTAAATTAATAA
-100
CAAGCATTTGCTCAGACTTCAGATGAATATCTAAATATCAAGAACCCAAATGAGGTTTAA

GAATGACTAGAAATAAATTTATAGCTAATAAGTTTAGTATTATATCCTTTTCAGTATTAC
30
GATTTGCTATATCTCTCTCACAGGCTATAGAACTAAATGCTATGAATGAACATTACACTG
100
40
AGATTAATATTAACCAACCTAATCTGAAAAATTAAGCTGAAAAAGAAAAATTA
60
AAGACAGTATTAAATAGTTAGTTAAACAGAAATTTACCAATGAACCTTTAATTAATAATAC
100
80
AGCAGACACAGCACTTATTAAAAAGATACCTAAGCATGTACTTCAAATTTATAGTGAAT
100
TAGGAGGAGAAATCTATTTTACAGATATAGATTTAGTAGAACATAGGAGTTACAGAT
300
120
TAAGTGAAGAGAGAAAAATAGTATGAATAGTAGAGCTGAAAAAGTTCCGTTTGCATCC
400
140
GTTTTCTATTTGAAAAAGAAAGGGAAACACCTAAATTAATTATAATATCAAGATTAT
160
CAATTAATAGTGAACAAAGTAAAGAACTATATTATCAAAATTCGAAAGCCGATTCTCTT
180
ATATTATAAGTAAGGATAAATCTCTAGATCCAGAGTTTTTAAATTAATTAAGAGTTTA
200
GCCATGATAGTGAAGTAGTACCGAGCTTTTATTTAGTCAAAAAATTAAGAGAGCTAGAA

[illegible]

c 2001508

530 CAATTTCATTAGAAAAACAAAAAGGTGTTACTAATTATTCATTAAATATCGAATTGACA
1600

540 GCGAAACCCGATTCAACTAAGCGAAGTTTATCAAAATTCGCAAAACAAATGCTTGATCGTT

550 TGAATGAAGCAGTCAAAATATACAGGATATACAGGGGGGATGTGTTAACCATGGCACAG
1700

560 AOCAGATAATGAAGAGTTTCTGCAAAAACATAACCAAAATTTTATATTAAATCCAGAAAG

570 CTGAAATTTATATTAACTAAAAATTCGGAGATGACAGGTAGATTATAGAAAAAACATTA
1800

580 CCGGAAAAAGATTATTTATATTATTTTAAACGGTTCTTATAATAAAAATAGCTCTGCTAATA
1900

590 AAGCTTATATTGAGTGGACTGATCCGATTACAAAAGCCAAATAAATACCATCCCTAGGT

600 CAGCAGAGCTTTATAAAAAACTTATCCAGTATCAGTACATCTTCAATGTAGCAGTTTATA
2000

610 AAGATAGTGGCGACAAGACGAATTTGCAAAAAAGAAAGCGTCAAAAAATTCAGCAT

620 ATTTGTCAGACTATTACAAATTCAGCAATCATATTTTCTCAGCAAAAAAGCGTAAAA
2100

630 TATCAATATTTCTGTGAATCCAGCGCTATATCAAAATTCAAATGTTCTAAAACTTAAC
2200

640 AAATAGCACCAGAAATACAAAAATTTTTCATATTTAAAGCAAGGATTACCAATCAAC

650 TTCAATTCCTTCTAACACATCAAAAACTAATATTGAATTTAAATTTGTATAAACAA
2300

660 TAACTTTACAGAAAAAGAAAGGATAATTTTAAATTTCTA~~~~~

670 AATAAATATATATAATTTGTTTTCTCAAAATTCATCATTTTAAAGAGACACTAGGAAT
2400

680 AAATAGATGTATTGAATAGTTATAGTAATGCTCTTGTATCGACATACCGCTTATACTTT
2500

690 GGAAGTAGTAGATATTAAACAACATATAGCAATGAACGATGTAGATC

ou l'enchaînement des nucléotides complémentaires de la séquence (I).

Des séquences selon l'invention sont caractérisées en ce qu'elles comprennent l'enchaînement (I) défini ci-dessus ou sont constituées par tout ou partie de cet enchaînement.

La séquence en aval du site de liaison aux ribosomes est caractérisée en ce qu'elle est particulièrement riche en A-T.

Il va de soi que les bases de la séquence de nucléotides considérée peuvent être dans un cadre différent de celui trouvé dans les gènes et/ou que ces bases peuvent être, le cas échéant, substituées, dès lors qu'une sonde élaborée à partir d'une telle séquence donne une réponse caractéristique et non équivoque quant à la capacité de reconnaître la présence de gènes codant pour une adényl cyclase telle que sécrétée par B. anthracis.

Toute séquence de nucléotides hybridable avec celle de l'enchaînement (I), telle qu'obtenue par transcription enzymatique inverse de l'ARN correspondant ou encore par synthèse chimique, entre également dans le cadre de l'invention.

La séquence de nucléotides de l'invention correspond encore, selon le code génétique universel, à au moins une partie de la séquence (II) en acides aminés suivantes :

30

35

2001508

11 6

NYRNRPIPKKPBIIIPBV
20LFAISSSOAIEVNAHNEYT
40SSDIKANHNKTEKNEKEEP
60EOSINNLVETETNESTLDKI
80DOTODLLEKIPKOVLEIYSE
100LCOOSYPTDIDLVBNOLDD
120LSEEEKXNSHNSGEXVPFAS
140RFPDZRNDOFHLVIMIKDV
160AINSEOSKEVYIEICKOISL
180DIISEKDESLDPFLNLIKSL
200SODSDSSDLLPKOPKEXLE

2001508

11 b

220 L N H E S I D I N F I K E H L T E F Q H
240 A P S L A F S Y F A P D B A T V L E L
260 Y A P D N E E H N H E L E K O O F S K I
280 S E S L E E S O V E K O R I D V L E G E
300 E A L E A S G L V D E H A D A F K E I A
320 R E L N T Y L F K F V H L A T H L I
340 E S O V A T K G L H V H G E S S D W O P
360 V A O T I P F D O D L S E H G O O L A
380 V E E G L E D E E S I T E H E G E I G
400 E I P L E L D H L E E S L E H G I I
420 L E O E E I D H G K E Y L L E S H H
440 Q V T E F K I S D E H H E V O Y K T E
460 G K I T V L G E K F H W H H I E V H A E
480 H V E O V L E P L T A D V D L P A L A P
500 S L T E I K K O I P Q K E V O R V V H T

2001508

11 c

320 P M S L S K Q K Q V T M L L I X Y G I E
340 R K P D E T R G T L S M W Q R Q M L D R
360 L N E A V X Y T G Y T C C D V Y N R G T
380 E Q D N E S P P E K D M S I P I T N P E
400 G E F I L T R N W S M T C R P I E X N I
420 T O K D Y L Y Y P N R S Y N K I A P O N
440 E A Y I E W T D P I T R A I I N T I P T
460 S A E P I E N L S S I R R S S N V O V Y
480 K D S O D K D E P A K E E S V K K I A G
500 Y L S D Y Y M S A N N I P S O E K R R K
520 I S I Y R G I Q A Y M E I C N V L K S K
540 Q I A P E Y E N Y T O Y L E E R I T M O
560 V V L L L L L L L L L L L L L L L L Y K O
580 L N P T E M E T D N F E V F O K S I D E
600 N N N N N

Les lettres indiquées dans cet enchaînement présentent les significations conventionnelles suivantes :

| | | |
|----|---|------------------|
| | D | Acide aspartique |
| 5 | E | Acide glutamique |
| | A | Alanine |
| | R | Arginine |
| | N | Asparagine |
| | C | Cystéine |
| 10 | Q | Glutamine |
| | G | Glycine |
| | H | Histidine |
| | I | Isoleucine |
| | L | Leucine |
| 15 | K | Lysine |
| | M | Méthionine |
| | F | Phénylalanine |
| | P | Proline |
| | S | Sérine |
| 20 | T | Thréonine |
| | W | Tryptophane |
| | - | . |
| | V | Valine |

25 L'invention vise en outre une protéine à activité adényl cyclase du type de celle synthétisée par B.anthraxis, ainsi que les fragments peptidiques de cette protéine, correspondant selon le code génétique universel à l'une des séquences de nucléotides

30 ci-dessus.

La protéine selon l'invention est telle qu'obtenue par transformation de cellules hôtes au moyen d'un vecteur recombinant contenant une séquence de nucléotides comme définie plus haut sous le contrôle

35 d'éléments de régulation permettant l'expression de

ledite séquence dans la cellule hôte, mise en culture dans un milieu approprié des cellules hôtes transformées et récupération de la protéine à partir de ces cellules ou directement à partir du milieu de culture lorsqu'elle est sécrétée.

L'invention vise plus spécialement une protéine correspondant, selon le code génétique universel, à la séquence (I) de nucléotides et qui est représentée par l'enchaînement (II) de 800 acides aminés. Cette protéine possède un poids moléculaire théorique M_r de 92 187. Comme d'autres protéines extracellulaires d'organismes gram positifs, l'adényl cyclase apparaît synthétisée par B. anthracis sous forme d'un plus grand précurseur dont la séquence signal est éliminée lors de la sécrétion. Le début de la séquence devrait occuper la position 29 ou pourrait occuper la position 34. La composition globale après élimination de la séquence du précurseur correspond à une protéine hydrophile. Des résidus basiques ainsi que des acides aminés hydrophobes sont proches de la partie N-terminale comme caractéristiques d'un peptide signal. On peut substituer à cet enchaînement signal d'autres peptides signaux, en particulier pour améliorer la sécrétion de l'adényl cyclase dans d'autres organismes.

On notera que l'adényl cyclase ci-dessus, comme celle exprimée par B. pertussis, ne contient pas de résidus cystéine, ce qui contraste avec les observations biochimiques effectuées sur les cyclases eucaryotes.

L'étude de cette séquence de 800 acides aminés montre qu'elle présente plusieurs régions communes avec l'adényl cyclase sécrétée par B. pertussis de 1706 acides aminés, comme développé dans la partie de la description illustrant plus en détail l'invention.

Selon un autre aspect de l'invention, la protéine de l'invention à activité adényl cyclase donne

lieu à une réaction immunologique croisée avec des anticorps dirigés contre des sous-unités catalytiques d'adényl cyclase de cerveau de rat ou encore contre l'adényl cyclase de B. pertussis.

5 La protéine de l'invention et ses fragments, qui peuvent être également obtenus par synthèse chimique, présentent avantageusement un degré de pureté élevé et sont utilisés pour former, selon les techniques classiques, des anticorps polyclonaux.

10 De tels anticorps polyclonaux, ainsi que les anticorps monoclonaux capables de reconnaître spécifiquement la protéine ci-dessus et ses fragments sont également visés par l'invention.

15 Les séquences de nucléotides selon l'invention sont obtenues avantageusement selon le procédé de clonage des demandeurs évoqué plus haut. Les vecteurs recombinants d'expression et de clonage capables de transformer une cellule hôte appropriée entrent également dans le cadre de l'invention. Ces
20 vecteurs comportent au moins une partie d'une séquence de nucléotides de l'invention sous le contrôle d'éléments de régulation permettant son expression. Les souches de microorganismes transformées font également partie de l'invention. Ces souches comportent l'une des
25 séquences de nucléotides définies ci-dessus ou encore un vecteur recombinant tel que défini précédemment.

L'invention vise également les applications biologiques des séquences de nucléotides, des protéines correspondantes et des anticorps monoclonaux
30 ou polyclonaux.

Ces applications comprennent l'élaboration, à partir de fragments intragéniques de l'enchaînement (I), de sondes pour la détection de séquences similaires dans les gènes produisant des
35 adényl cyclases. Cette élaboration comprend, notamment,

la dénaturation des séquences double brin pour obtenir une séquence monobrin utilisable en tant que sonde.

L'invention vise donc des sondes de détection caractérisées en ce qu'elles comprennent au moins une partie d'une séquence de nucléotides définie ci-dessus, plus spécialement un fragment intragénique codant pour le site catalytique de liaison à la calmoduline ou de manière suffisamment spécifique pour une partie de ce site, dans les adényl cyclases bactérienne. De tels fragments, complémentaires des sites correspondants dans les gènes d'eucaryotes exprimant de l'adényl cyclase à activité dépendante de la calmoduline, présentent en particulier l'avantage de faciliter le clonage et l'analyse des gènes en question.

Le fragment d'ADN utilisé comme sonde comporte un nombre de nucléotides suffisant pour obtenir la spécificité requise et la formation d'un hybride stable.

Des sondes appropriées pour ce type de détection sont avantageusement marquées par un élément radio-actif (sondes chaudes) ou tout autre groupe non radio-actif (sondes froides) permettant la reconnaissance de la sonde à l'état hybridé avec la préparation renfermant l'ADN à étudier.

Selon les techniques classiques, ces sondes sont mises en contact avec un échantillon biologique renfermant des bactéries, ou directement avec ces bactéries ou leurs acides nucléiques, dans des conditions autorisant l'hybridation éventuelle de la séquence de nucléotides de la sonde avec une séquence complémentaire, éventuellement contenue dans le produit testé.

On peut, par exemple, mettre en oeuvre la méthode d'hybridation sur taches. Cette méthode comporte après dénaturation de l'ADN préalablement obtenu à

partir de cellules exprimant de l'adényl cyclase, le dépôt d'une quantité aliquote de cet ADN sur des membranes de nitrocellulose, l'hybridation de chaque membrane dans les conditions usuelles avec la sonde et la détection, de manière classique, de l'hybride formé.

On peut aussi utiliser une méthode d'hybridation sur réplique, selon la technique de Southern. Cette méthode comprend la séparation électrophorétique en gel d'agarose des fragments d'ADNs engendrés après traitement de l'ADNs par des enzymes de restriction, le transfert après dénaturation alcaline sur des membranes appropriées et leur hybridation avec la sonde dans les conditions usuelles. Il n'est pas toujours nécessaire de procéder à l'expression préalable de l'ADN. Il suffit que l'ADN soit rendu accessible à la sonde.

L'invention fournit ainsi des outils permettant de détecter rapidement, avec une grande spécificité, des séquences similaires dans les gènes codant pour des adényl cyclases, ce qui permet d'étudier l'origine et le mode d'action de ces adényl cyclases.

Pour la mise en oeuvre des méthodes de détection considérées ci-dessus basées sur l'utilisation de sondes nucléotidiques, on a recours avantageusement à des nécessaires ou kits comprenant :

- une quantité déterminée d'une sonde nucléotidique selon l'invention;
- avantageusement, un milieu approprié respectivement à la formation d'une réaction d'hybridation entre la séquence à détecter et la sonde,
- avantageusement des réactifs permettant la détection des complexes d'hybridation formés entre la séquence de nucléotides et la sonde lors de la réaction d'hybridation.

L'invention vise également les applic-

tions immunologiques des protéines définies ci-dessus, plus spécialement pour l'élaboration d'antisérums spécifiques ainsi que d'anticorps polyclonaux et monoclonaux. Les anticorps polyclonaux sont formés selon les techniques classiques par injection de la protéine à des animaux, récupération des antisérums, puis des anticorps à partir des antisérums par exemple par chromatographie d'affinité.

Les anticorps monoclonaux sont produits de manière habituelle en fusionnant des cellules de myé- lomes avec des cellules de rate d'animaux préalablement immunisés à l'aide des protéines de l'invention.

Les essais de toxicologie réalisés avec l'adényl cyclase en l'absence d'antigène protecteur ont démontré leur absence de toxicité.

Tout ou partie des séquences immunoprotectrices de ces protéines sont avantageusement utilisées pour l'élaboration de vaccins sous réserve de ne pas donner lieu à des réactions immunitaires indésirables mettant en jeu par exemple l'adényl cyclase de l'hôte.

L'invention vise donc des vaccins moléculaires capables de prévenir les infections provoquées par B. anthracis et ses effets toxiques chez l'homme et l'animal, ces vaccins étant à base des protéines définies ci-dessus, avec un véhicule pharmaceutique.

Les anticorps formés contre l'adényl cyclase de B. anthracis donnant lieu à une réaction immunologique croisée avec l'adényl cyclase de B. pertussis, l'invention fournit avantageusement un double vaccin contre les infections provoquées par B. anthracis et B. pertussis.

On indique ci-après, à titre d'exemple non limitatif, les matériels et les méthodes utilisés pour

cloner et séquencer le gène de l'adényl cyclase de B. anthracis.

Les figures 1 et 2 auxquelles il est fait référence représentent :

- 5 - la figure 1, la carte de restriction d'un fragment d'ADN d'environ 3,8 kb portant le gène cya de B. anthracis, et
- la figure 2, les séquences d'acides aminés des adényl cyclases de B. anthracis (ligne supérieure) et de B. pertussis (ligne inférieure).

10 a) Souches bactériennes et plasmides

On utilise les souches d'E. coli suivantes pour la transformation TP610 (5) et pour la transfection JM105 (6).

- 15 le plasmide recombinant mis en oeuvre pMMA8812 est un dérivé de pUC8 contenant un fragment EcoRV-PstI de 3,8 kb portant les déterminants pour l'adényl cyclase de B. anthracis (1). Le fragment de restriction EcoRV-PstI est représenté sur la Figure 1.

- 20 Le plasmide recombinant pMMA8812 exerce une action de complémentation, activée par la calmoduline, vis-à-vis de la déficience en cyclase d'une souche d'E. coli cya⁻.

.. b) Milieux et réactifs chimiques

- 25 On réalise les cultures sur des milieux LB riches de Miller (7). L'ampicilline, lorsqu'elle est utilisée, est ajoutée à raison de 100 microgramme par ml. On utilise les enzymes de restriction ADN T4 ligase et Pollk (Boehringer - Mannheim) et l'ADN T7 polymérase modifiée (Séquenase) commercialisée par USBC. Les
- 30 oligodéoxy ribonucléotides utilisés comme amorces dans le séquençage d'ADN d'une part et le dATP³⁵ d'autre part sont tels que commercialisés respectivement par Pharma et par Amersham.

35 c) Analyse de la séquence de nucléotides

On utilise des sous-clones dans le vecteur mono-brin M13mp19 (8). Pour engendrer des délétions unidirectionnelles, on a recours au système cyclone (IBI).

La séquence de nucléotides est déterminée selon la méthode de terminaison de chaîne didéoxynucléotide (9) lorsqu'on utilise PolIX ou par une méthode de terminaison de chaîne didéoxynucléotide modifiée, lorsqu'on utilise la Séquenase (10).

On a déterminé la séquence de nucléotides de l'insertion d'ADN de B. anthracis de pXMA8812.

Le fragment de la figure 1 ne comporte qu'un cadre ouvert de lecture de 2400 pb. Ce dernier contient 800 codons allant du site considéré comme étant le site d'initiation de la traduction au codon de terminaison TAA.

Le codon considéré comme codon ATC de départ est précédé par un site, du type des sites de liaison aux ribosomes (RBS), dont la séquence GGAGC est complémentaire du 3'OH de l'ARN ribosomal 16S.

La séquence complète de nucléotides du cadre ouvert de lecture est représentée sur la figure 2. On constate que la séquence en aval du site RBS est particulièrement riche en A-T. La séquence d'acides aminés traduite correspond à l'enchaînement II ci-dessus.

Le site de clivage proposé sur la Figure 2 doit être corroboré par des données concernant le résidu N-terminal de l'adényl cyclase. Comme indiqué plus haut, l'adényl cyclase est vraisemblablement synthétisée par B. anthracis sous forme d'un plus grand précurseur dont la séquence signal est éliminée lors de la sécrétion. Le traitement du précurseur devrait conduire à une protéine mature de M_r 89261.

d) Comparaison des structures primaires des adényl-cyclases de B. anthracis et de B. pertussis

On a représenté sur la figure 2, la séquence complète du polypeptide de l'adényl cyclase de B. anthracis (ligne supérieure) et la séquence polypeptidique N-terminale de l'adényl cyclase de B. pertussis (ligne inférieure).

Les astérisques indiquent les acides aminés identiques et les croix des acides aminés de la même classe chimique.

La comparaison de ces séquences montre qu'elles sont dans leur ensemble différentes mais qu'elles présentent des parties de forte ou de plus faible similitude.

On constate, en particulier, une similitude dans un domaine d'environ 400 acides aminés situé chez l'enzyme de B. anthracis dans la partie centrale et chez celle de B. pertussis dans la partie N-terminale.

Des expériences de délétion *in vitro* ont montré que la séquence de 450 acides aminés de l'extrémité N-terminale de l'adényl cyclase de B. pertussis correspond au domaine catalytique activé par la calmoduline, ce qui amène à reconnaître le centre catalytique de l'adényl cyclase de B. anthracis dans la région allant de l'acide aminé en position 300 à celui en position 683.

La similitude la plus importante correspond au peptide de 24 acides aminés (de la position 342 à la position 365). Cette séquence contient cinq résidus gly et la séquence noyau G --- GKS (AKS chez B. pertussis) que l'on retrouve souvent dans les protéines ayant une affinité pour les nucléotides.

Deux autres régions présentent une similitude plus faible. Elles correspondent aux domaines s'étendant des positions 487 à 501 d'une part et 573 à 594 d'autre part.

Selon les résultats des études effectuées

sur cette séquence d'acides aminés l'adényl cyclase de B. anthracis apparaît organisée en domaines fonctionnels.

Au moins trois fonctions peuvent être attribuées à la molécule, à savoir :

- 5 1 - l'interaction avec des cellules eucaryotes. Cette propriété s'exerce par l'intermédiaire de l'antigène protecteur (PA) qui se fixe tout d'abord aux cellules sensibles, puis interagit avec l'adényl cyclase.
- 2 - l'internalisation,
- 10 3 - la fixation à la calmoduline et l'activation de la cyclase.

La partie centrale de la molécule (région allant des positions 350 à 390) est attribuée au domaine dépendant de la calmoduline.

15

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

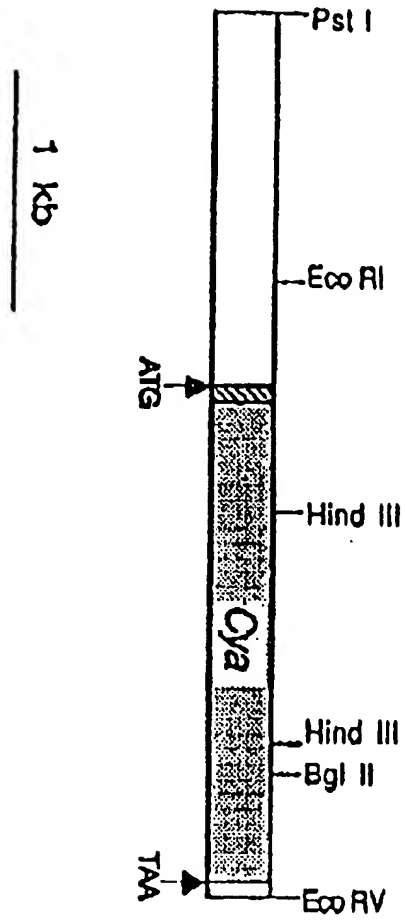
- 1) Mock et al, Gene 1988, 64, 277-284
- 2) Vodkin et Leppla, Cell 1983, 34:693-697
- 20 3) Robertson et Leppla, Gene 1986, 44:71-78
- 4) Tippetts et Robertson, J. of Bact. 1988, vol 70, n° 5, 2263-2266
- 5) Hedegaard et Danchin, Mol. Gen. Gen. 201 (1985), 38-42
- 25 6) Yanisch-Perron et al, Gene 33 (1985), 103-119
- 7) Miller, Cold Spring harbor, NY, 1972
- 8) Norrander et al, Gene 25 (1983), 101-106
- 9) Sanger et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467
- 30 10) Tabor et Richardson, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84 (1987), 4767-4771

35

2001508

1/2

FIGURE 1



Andreas Hoge Dubue & Martina Walker

2001508

FIGURE 2

10 20 30 40 50
MTNHRFIPNFB18FVLLFA155QAEVMAHNEHYTESDIKRNHATEKNKTKCKR
70 80 90 100 110
DSIMNLVATFTNETHLQ1QOTODLLKIPKOVLEITSSELGCEITFTDIOLVENKELQDL
120 130 140 150 160 170
SETEKN3MNSROCKYPPASATVFEKRRBTPALLINIKDYAJHSEQSKEVTTGONKQISLD
180 190 200 210 220 230
11SKOKSLDFELNLIKSLDDDDSDLLPSQKFELELMHKBIDIMFIRENLTEFOMA
240 250 260 270 280 290
PSLATBYTAPDHRATVLELTAPDMFVHNLKENGCPKISBLSKKEGVENDR1DVLKCEK
HQQSHQAGYANA
10

310 320 330 340 350
ALKASGLVPEHIAUATASAKHLM...
ADRESGIAAVLDGIRAVAREKNATLNFALVNP11STSLACQVATKOLVHAKSDMGLQ
30 30 40 50 60 70

370 380 390 400 410
IGY17DQDLSKRIIGQGLAVEKONLEHRSITEHEGCIKIPLEHNLISELWENG1SL
AGY1PVPNLSKLPGRAPVIAADNOVHSSLAN-CHTA-VDLTSLKRLDYLQAGLYT
80 90 100 110 120

430 440 450 460 470
KORSEIDHOKKTYLLESNNQVTEPRISDENNE---VQYKTECHITVLCEKFMHRIEVM
-CHADGVVASHIAGTEQ---FEFHYKETSOGRTAVQIRAKG-----ODDF-----EAV
140 150 160 170

480 490 500 510 520
AKHYEGVLKPLTADYDLTALAPSLTEIKKIPKCHU-----EYVTHPSLEHOKOV-
KVIGHAAGIPLTADIDHFAIMPHLSHFDARSSEVTSCDVTDLARTRAASEATGGLD
180 190 200 210 220 230

530 540 550 560 570
---THLLIKY---GIZ-KKPDSTKOTLEHMKOM---LDRLMEAV-KYTGTCGVVHHT
REIDILLKHIADTEARROFATOGOM-NIGVITDFELEVAHNLHRAHVAAGADVVQNGT
240 250 260 270 280 290

580 590 600 610 620 630
EODNEEPKADHEI1INPEGET-1LTHNMENTONFIEKNITGADLYTTHASYNKIAPG
BQNF-PFEADBEFVVATCESONLTAG-OLKE-VICQOR-GEIVFTENRAT-GVA-G
310 320 330 340 350

640 650 660 670 680 690
HMAIE---HTDP-1THAKINTIPTSAEPIKHLSSIRSSHYGVIR-DSGDKEFAKKE
-ESLTDOLLOAAPOVTSGRSKFSPDYLETVPASPCLHAPELCAVERODSG-YDSLDCVGS
360 370 380 390 400 410

700 710 720 730 740 750
VKEIAGTSLDYTHSANNHIFQCKKRI1IFRCIQATHEIENVLKSQIAPEYKNYFQTLK
KBPSCGVSDMAAVEAAACLENTROVLHAGARQUDAEPOVSCASAHVQALQCAQAVAAA
420 430 440 450 460 470

760 770 780 790
E8ITHQVOLLTHQKSMIEFKLLTROHFTMETDMFEVFKSIDEN
QALVIAJALHTQFCRAGETNTPQEAASLSAAVEGLCEASAVAEVTVSGFFRACSSRWAGGP
480 490 500 510 520 530

Gudrun Hage Doherty & Patricia Walker

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.